

Julia Grochowska¹

Studenckie Koło Naukowe Zakładu Rolnictwa, Akademia Bialska im. Jana Pawła II, Biała Podlaska

Marcin Weiner²

Akademia Bialska im. Jana Pawła II, Biała Podlaska

https://doi.org/10.29316/9788368103342_3

ZASTOSOWANIE BIOINFORMATYKI W ROZWOJU NOWOCZESNEGO ROLNICTWA

THE APPLICATION OF BIOINFORMATICS IN THE DEVELOPMENT OF MODERN AGRICULTURE

Streszczenie

W związku z prognozowanym wzrostem liczby ludności do 9,7 miliarda do 2050 roku, świat stoi przed ogromnymi wyzwaniami związanymi z bezpieczeństwem żywnościowym i koniecznością zrównoważonej produkcji żywności. Zmiany klimatyczne, stresy abiotyczne, transformacje demograficzne oraz oczekiwania konsumentów dotyczące jakości i przejrzystości produkcji wymuszają wdrażanie nowoczesnych technologii w rolnictwie i hodowli. Bioinformatyka, interdyscyplinarna dziedzina łącząca informatykę, statystykę, biologię i matematykę, odgrywa coraz istotniejszą rolę w unowocześnianiu produkcji rolniczej. W prezentowanym rozdziale, na podstawie analizy najnowszych dostępnych publikacji naukowych, opisano wkład bioinformatyki w przebieg badań umożliwiających rozwój hodowli roślin i zwierząt, medycyny

Abstract

Due to the projected global population increase to 9.7 billion by 2050, the world faces significant challenges related to food security and the need for sustainable food production. Climate change, abiotic stresses, demographic transformations, and consumer expectations regarding the quality and transparency of production processes are driving the implementation of modern technologies in agriculture and animal husbandry. Bioinformatics, an interdisciplinary field combining computer science, statistics, biology, and mathematics, is playing an increasingly significant role in modernizing agricultural production. This chapter, based on an analysis of the latest available scientific publications, describes the contribution of bioinformatics to research supporting the development of plant

¹ studentka, <http://orcid.org/0009-0006-9441-4002>; e-mail: grochowska23375@stud.akademibialska.pl

² prof. dr hab., <http://orcid.org/0000-0001-9288-0823>; e-mail: m.weiner@dyd.akademibialska.pl

weterynaryjnej, technologii wykorzystywanych do zarządzania gospodarstwami rolnymi, bezpieczeństwa środków ochrony roślin i mikrobiologii rolniczej.

Słowa kluczowe: bioinformatyka, rolnictwo, hodowla zwierząt, uczenie maszynowe

and animal breeding, veterinary medicine, technologies used in farm management, the safety of plant protection products, and agricultural microbiology.

Keywords: bioinformatics, agriculture, animal husbandry, machine learning

Wstęp

W obliczu prognozowanego wzrostu liczby ludności do 9,7 miliarda do roku 2050 świat staje przed bezprecedensowymi wyzwaniami w zakresie zapewnienia bezpieczeństwa żywnościowego. Jednym z najważniejszych z nich jest konieczność zrównoważonej i efektywnej produkcji żywności. Według Organizacji Narodów Zjednoczonych do spraw Wyżywienia i Rolnictwa, w ciągu najbliższych dwóch dekad produkcja ta musi wzrosnąć aż o 70%, aby sprostać rosnącemu zapotrzebowaniu. Wzrost populacji to jednak tylko jeden z wielu czynników wpływających na systemy żywnościowe. Dodatkowo, jako społeczeństwo mierzymy się ze skutkami zmian klimatycznych, transformacją demograficzną, zmieniającymi się preferencjami konsumentów oraz wyzwaniami związanymi z globalizacją i handlem. Współcześni konsumenci są coraz bardziej świadomi wpływu produkcji żywności na zdrowie i środowisko. Oczekują produktów wysokiej jakości, powstających z poszanowaniem zasad zrównoważonego rozwoju, wolnych od nadmiaru środków ochrony roślin i antybiotyków, a także charakteryzujących się wysoką identyfikowalnością i transparentnością procesów wytwórczych (Zhang i in., 2024). Jednocześnie, zmiany klimatyczne, w tym coraz częstsze ekstremalne zjawiska pogodowe, zwiększają ryzyko nieurodzaju (Alasa, Jiyane, 2025). Stresy abiotyczne, takie jak susze, zasolenie, ekstremalne temperatury czy niedobory składników odżywczych, stanowią poważne zagrożenie dla produkcji roślinnej i stabilności globalnego łańcucha dostaw żywności. W odpowiedzi na te wyzwania kluczową rolę może odegrać rewolucja cyfrowa, a szczególnie rozwój narzędzi analizy tzw. „big data”. Współczesne technologie umożliwiają gromadzenie i analizowanie ogromnych ilości danych w czasie rzeczywistym, co stwarza nowe możliwości dla przemysłu spożywczego i rolnictwa. W tym kontekście na szczególną uwagę zasługuje bioinformatyka – interdyscyplinarna dziedzina łącząca matematykę, informatykę, statystykę i nauki przyrodnicze. Bioinformatyka dostarcza zaawansowanych narzędzi do zarządzania, analizy, interpretacji i modelowania danych biologicznych, odgrywając coraz większą rolę w projektowaniu innowacyjnych rozwiązań dla nowoczesnego rolnictwa (Zhang X. i in., 2024).

Celem niniejszego rozdziału jest zbadanie aktualnych zastosowań bioinformatyki w kontekście rozwoju zrównoważonego rolnictwa oraz ocena jej potencjału w kształtowaniu przyszłości produkcji żywności.

Materiał i metoda

Źródła literatury wykorzystane w rozdziale zostały zidentyfikowane i zgromadzone z wykorzystaniem wyszukiwarki Google Scholar. Analizowana literatura obejmowała zagraniczne publikacje wydane od 2024 do końca pierwszego kwartału 2025 r. Biorąc pod uwagę dynamiczny rozwój bioinformatyki, w niniejszym rozdziale położono nacisk na wybór najnowszych publikacji naukowych, aby zapewnić aktualność prezentowanych informacji i odzwierciedlić najnowsze osiągnięcia w tej szybko ewoluującej dyscyplinie.

Strategia wyszukiwania obejmowała użycie specyficznych słów kluczowych i fraz związanych z głównym tematem tego przeglądu. Do zawężania wyników wyszukiwania i zapewnienia włączenia istotnych badań użyto operatora logicznego AND. Wyszukiwanie oparto na kombinacji następujących słów kluczowych: bioinformatics AND agriculture, bioinformatics AND animal breeding, metagenomics AND agriculture development, machine learning, AND agriculture development.

Wyniki

Na podstawie analizy danych literaturowych dokonano autorskiego usystematyzowania zastosowań bioinformatyki w kontekście rozwoju zrównoważonego rolnictwa oraz podjęto próbę oceny potencjału bioinformatyki w kształtowaniu przyszłości produkcji żywności.

Hodowla roślin uprawnych

Hodowla roślin uprawnych od tysiącleci opiera się na cyklach selekcji fenotypowej i krzyżowania, które prowadzą do ulepszania genotypów poprzez rekombinację genetyczną. Ze względu na złożoność genetyczną roślin, proces ich twórczej hodowli jest długotrwały i obciążony dużą nieprzewidywalnością. W obliczu wyzwań, jakie niesie XXI wiek, specjaliści muszą szybko i wydajnie identyfikować i rozwiązywać problemy związane z hodowlą, tak, by nowe odmiany pozwalały na wymierne zwiększanie wydajności upraw prowadzonych przez producentów rolnych. Takie podejście opiera się na korzystaniu ze współpracy wielu dziedzin nauki, szczególnie znaczenie w tym kontekście ma genomika i bioinformatyka, bardzo często wspomagana narzędziami sztucznej inteligencji. Jej zastosowania w doskonaleniu roślin obejmują szeroki zakres działań, dostarcza narzędzi i technologii wspierających procesy badawcze, umożliwia rozwój zaawansowanych

narzędzi obliczeniowych oraz baz danych, co sprzyja głębszemu zrozumieniu złożonych systemów biologicznych (Zhang X. i in., 2024). Rozwój sekwencjonowania genomowego umożliwił identyfikację genów odpowiedzialnych za cechy agronomiczne oraz analizę zmian genotypowych podczas hodowli. Istotne są tutaj metody takie jak mapowanie loci cech ilościowych (QTL) oraz badania asocjacyjne całego genomu (GWAS). Mapowanie QTL pozwala na lokalizację fragmentów genomu związanych z określonymi cechami ilościowymi, takimi jak plenność czy odporność na choroby, poprzez analizę korelacji między markerami genetycznymi, a obserwowanymi cechami. Z kolei GWAS polega na badaniu powiązań pomiędzy wariantami genetycznymi w całym genomie, a cechami fenotypowymi w dużych populacjach roślin, co pozwala na wykrywanie genów wpływających na różnorodne właściwości agronomiczne. Sztuczna inteligencja i bioinformatyka umożliwiają także modelowanie predykcyjne w hodowli roślin, co przyspiesza tworzenie odmian odpornych na zmiany klimatyczne (Prajval i in., 2024). Przykładowo, w badaniu (Zhu i in., 2024) podjęto próbę zidentyfikowania genów prosa zwyczajnego związanych jednocześnie z odpornością na suszę i wydajnością plonowania. Wybrano 46 kandydackich genów reagujących na stres suszy, wykorzystując podejście transkryptomiczne oparte na metodach uczenia maszynowego (ML). Z zastosowaniem analizy głównych składowych (PCA) wyselekcjonowano 12 kluczowych genów, które następnie potwierdzono doświadczalnie za pomocą reakcji łańcuchowej polimerazy w czasie rzeczywistym (qPCR). Co istotne, analiza haplotypów tych genów w obrębie 1844 zasobów genowych wykazała, że dwa geny – *Seita.5G251300* oraz *Seita.8G036300* – posiadają warianty haplotypowe związane z tolerancją na suszę, które jednocześnie wykazują przewagę w zakresie masy tysiąca ziaren oraz masy ziarna z głównej wiechy, bez negatywnego wpływu na całkowitą masę ziarna z rośliny. Uzyskane wyniki wskazują na potencjał genów *Seita.5G251300* i *Seita.8G036300* jako celów w programach hodowli prosa zwyczajnego o zwiększonej odporności na suszę i wysokim potencjale plonowania. Coraz doskonalsze komputerowe modele predykcyjne umożliwiają badania fenomiczne, polegające na rozpoznawaniu zależności łączących informacje genetyczne z obserwowalnymi cechami fenotypowymi. Bioinformatyczne analizy wspierane przez sztuczną inteligencję były już skutecznie wykorzystywane w badaniach relacji między genomiką a cechami fenotypowymi bydła, i mogą być w podobny sposób wykorzystana w kontekście roślin uprawnych (Zhang i in., 2024).

Hodowla zwierząt gospodarskich

Współczesna hodowla zwierząt coraz częściej opiera się na narzędziach bioinformatycznych, które umożliwiają analizę dużych zbiorów danych genomowych oraz identyfikację markerów genetycznych powiązanych z cechami użytkowymi. Zidentyfikowano i powiązano liczne markery genetyczne z cechami wzrostu, jakością mięsa, rozrodem oraz produkcją mleka, przy czym dominujące formy markerów to warianty liczby kopii oraz polimorfizmy pojedynczego nukleotydu. Selekcja genomowa wykorzystuje już część z tych markerów, jednak zmienność genetyczna uchwycona przez obecnie dostępne markery wyjaśnia jedynie część zróżnicowania fenotypowego obserwowanego w populacjach zwierząt (Jaglan i in., 2024). Przez ostatnie dwie dekady dane genomowe były sukcesywnie integrowane z modelem najlepszej liniowej nieobciążonej prognozy (BLUP), stosowanym w selekcji genomowej, a także podlegały dalszej optymalizacji w zależności od scenariuszy aplikacyjnych, jednakże klasyczne liniowe modele mieszane mają trudności z uchwyceniem złożonych zależności występujących w dużych, zaszumionych i często redundantnych zbiorach danych genomicznych. Dodatkowym ograniczeniem jest skupienie się głównie na efektach addytywnych, co nie pozwala na precyzyjne przewidywanie fenotypu. W związku z tym, rośnie zainteresowanie alternatywnymi metodami predykcyjnymi. Bioinformatyka, wspierana przez algorytmy ML, staje się coraz bardziej powszechnym narzędziem do predykcji genomowej, umożliwiając dokładniejsze modelowanie cech ekonomicznych u świń, bydła i brojlerów. W badaniach z wykorzystaniem GWAS u kur rasowych zidentyfikowano tysiące istotnych lub sugerująco istotnych polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNP) związanych z cechami takimi jak masa ciała, nieśność, wysokość albuminy i jakość skorupy, z których wiele zlokalizowano w znanych regionach QTL. Analizy wzbogacenia funkcjonalnego wykazały, że geny te uczestniczą w szlakach biologicznych związanych m.in. z regulacją ekspresji genów, transdukcją sygnału, kanałami wapniowymi oraz wzrostem i rozwojem, co potwierdza ich związek z obserwowanymi cechami. Predykcja genomowa zyskuje na znaczeniu jako kluczowe narzędzie we współczesnej hodowli zwierząt, jednak jej skuteczność zależy od zdolności modeli do odwzorowywania rzeczywistych zależności genotyp-fenotyp. Dlatego rozwój nowych, bardziej precyzyjnych algorytmów bioinformatycznych pozostaje niezbędny dla dalszego postępu w dziedzinie hodowli zwierząt (Li i in., 2024).

Medycyna weterynaryjna

Rozwój zaawansowanych narzędzi bioinformatycznych, takich jak AlphaFold i Foldit, znacząco przyspieszył identyfikację prawdopodobnych

struktur fałdowania białek, a także umożliwił formułowanie nowych, wcześniej pomijanych hipotez dotyczących ich konformacji. Wiedza ta ma kluczowe znaczenie dla zrozumienia funkcji białek oraz mechanizmów molekularnych chorób u zwierząt. Analogiczne podejście z powodzeniem wykorzystywane jest w tzw. projektowaniu leków *in silico*, gdzie dzięki symulacjom komputerowym możliwe jest przewidywanie aktywności biologicznej cząsteczek małej masy cząsteczkowej (Zhang i in., 2024). Tego rodzaju techniki pozwalają nie tylko na identyfikację potencjalnych związków terapeutycznych, ale także na ich wstępną ocenę pod kątem selektywności, toksyczności i skuteczności, jeszcze przed rozpoczęciem badań laboratoryjnych. Bioinformatyka umożliwia również szybkie i precyzyjne rozpoznawanie patogenów na podstawie ich informacji genetycznej, co znacząco usprawnia diagnozowanie chorób zakaźnych u zwierząt oraz monitorowanie ich rozprzestrzeniania się w czasie rzeczywistym (Prajval i in., 2024). Zastosowanie bioinformatyki otwiera nowe możliwości w opracowywaniu celowanych terapii i przyspiesza rozwój nowoczesnych strategii leczenia w medycynie zwierząt gospodarskich (Zhang i in., 2024).

Bezpieczeństwo środków ochrony roślin

Pestycydy odgrywają kluczową rolę w ochronie roślin i zwiększaniu plonów, jednak ich toksyczność może wywierać negatywny wpływ na środowisko oraz zdrowie ludzi. Ekspozycja na pestycydy i ich pozostałości obecne w żywności i wodzie pitnej wiąże się z licznymi problemami zdrowotnymi, takimi jak zaburzenia rozrodcze, uszkodzenia płodu, astma czy zwiększone ryzyko nowotworów. Dodatkowo, ich trwałość i zdolność do akumulacji w środowisku sprawiają, że stanowią one przewlekłe zagrożenie. W odpowiedzi na te zagrożenia, bioinformatyka wykorzystująca metody ML, umożliwia analizę szerokiego zakresu danych chemicznych i strukturalnych w celu identyfikacji wzorców toksyczności pestycydów. Dzięki ML możliwe jest tworzenie modeli predykcyjnych pozwalających na precyzyjne określenie poziomu toksyczności oraz identyfikację substancji wysokiego ryzyka (Lorusso, Blaustein, García Carrillo, 2024). Przykładem wykorzystania takich narzędzi bioinformatycznych jest badanie przeprowadzone w kontekście rolnictwa w Argentynie, gdzie stosowanie alternatywnych herbicydów – takich jak glufosynian amonu, alachlor i mesotrion – wzbudziło obawy związane z ich potencjalnym działaniem rakotwórczym. W badaniu tym wykorzystano platformy STITCH i STRING do identyfikacji białek mogących wchodzić w interakcje z tymi substancjami, a następnie przeprowadzono analizę wzbogacenia w kontekście procesów biologicznych (Gene Ontology) i szlaków metabolicznych (KEGG). Odkryto, że analizowane herbicydy mogą

wpływać na szlaki związane z proliferacją komórek, apoptozą, odpowiedzią na stres oraz metabolizmem ksenobiotyków. Wskazano także potencjalne powiązania z chorobami takimi jak nowotwory, neurodegeneracje czy toczeń rumieniowaty układowy (Anandhi i in., 2024). Wyniki te podkreślają potencjał bioinformatyki w ocenie ryzyka toksykologicznego pestycydów i wspieraniu decyzji w zakresie zdrowia publicznego i ochrony środowiska.

Rolnictwo precyzyjne

Rolnictwo, jako branża historycznie odizolowana technologicznie, rozwijająca się głównie na podstawie metod prób i błędów oraz wiedzy branżowej, dotychczas nie miało możliwości podejmowania decyzji w oparciu o szczegółowe dane zbierane w czasie rzeczywistym. Dzięki rozwojowi nowoczesnych technologii, takich jak sieci LPWAN (Low-Power Wide-Area Networks), sieci komórkowych oraz innych bezprzewodowych systemów telekomunikacyjnych, możliwa stała się zdalna transmisja danych wykorzystywanych w rolnictwie, takich jak pomiary z czujników glebowych i wilgotnościowych, dane klimatyczne oraz obrazy satelitarne służące do monitorowania upraw (Zhang i in., 2024). Takie wykorzystanie sieci komunikujących się ze sobą obiektów wyposażonych w czujniki nazywa się Internetem rzeczy (IoT). IoT znajduje coraz szersze zastosowanie w tzw. rolnictwie precyzyjnym, umożliwiając bieżące monitorowanie warunków środowiskowych, takich jak jakość powietrza, wilgotność gleby czy zużycie wody i energii. Dzięki inteligentnym czujnikom rolnicy mogą precyzyjniej zarządzać uprawami i zasobami, co przekłada się na bardziej efektywną i zrównoważoną produkcję rolną (Alasa i Jiyane, 2025). Poprzez ocenę warunków i potrzeb poszczególnych upraw, pól i zwierząt gospodarskich, rolnictwo precyzyjne może zwiększyć ilość i jakość produkcji rolnej, jednocześnie ograniczając zużycie zasobów- nawozów, pestycydów, dodatków paszowych itp., w celu obniżenia kosztów i zmniejszenia wpływu na środowisko (Zhang i in., 2024). Dane pozyskiwane przez czujniki znajdujące się w gospodarstwach, a także zależności występujące między poszczególnymi ich kategoriami, są często zbyt złożone, by móc analizować je intuicyjnie, tu zastosowanie znajdują metody obliczeniowe korzystające z algorytmów, modeli matematycznych i sztucznej inteligencji. Przykładowo, dzięki zintegrowanym danym z czujników IoT i zaawansowanym narzędziom bioinformatycznym możliwe staje się identyfikowanie warunków środowiskowych sprzyjających infekcjom, prognozowanie ryzyka fitopatologicznego w czasie rzeczywistym oraz opracowywanie strategii zarządzania uprawami, które minimalizują podatność roślin na choroby przy jednoczesnym ograniczeniu stosowania chemicznych środków ochrony. Algorytmy oparte na AI mogą analizować obszerne dane

środowiskowe w celu prognozowania trendów pogodowych, czy identyfikowania źródeł zanieczyszczeń (Alasa, Jiyane, 2025).

Rozwój badań biologicznych

Dzięki zaawansowanym metodom analizy danych omicznych (genomicznych, transkryptomicznych, proteomicznych, metabolomicznych, epigenomicznych, metagenomicznych, lipidomicznych oraz interaktomicznych), bioinformatyka umożliwia odkrywanie nowych cząsteczek biologicznie czynnych, identyfikację nieznaną dotąd mechanizmów regulacyjnych oraz pogłębianie wiedzy o złożonych procesach biologicznych zachodzących zarówno na poziomie komórkowym, jak i całych organizmów (Zhang X. i in., 2024). Przykładowo, współczesna biologia RNA badająca strukturę, funkcję, biosyntezę, rodzaje i regulacje tego kwasu nukleinowego nie byłaby możliwa bez integracji z narzędziami bioinformatycznymi, które stały się nieodzownym elementem analizy danych molekularnych. Niewielki procent genomów większości dużych roślin rolniczych stanowią geny kodujące białka, podczas gdy pozostała część składa się z sekwencji niekodujących. Dzięki niedawnym postępom technologicznym i koncepcyjnym odkryto, że genomy roślin zawierają setki niekodujących RNA (ncRNA), które mogą pełnić funkcje biologiczne. Ponadto wykazano powszechne występowanie odległych elementów regulatorowych, takich jak enhancery (Prajval i in., 2024). W kontekście hodowli roślin i zwierząt, ważnym zagadnieniem są małe niekodujące RNA, zwane mikroRNA (miRNA), regulujące ekspresję genów na poziomie potranskrypcyjnym. Zaburzenia w produkcji miRNA mogą prowadzić do zakłócenia istotnych procesów komórkowych i sieci regulacji genów, przyczyniając się do rozwoju takich stanów jak zaburzenia metaboliczne czy choroby wirusowe. Ich związek z cechami użytkowymi o znaczeniu gospodarczym, takimi jak produkcja mleka, mięsa i jaj, a także ich wpływ na wydajność zwierząt, płodność, przeżywalność zarodków oraz odporność na choroby, czyni je istotnym obiektem badań (Jaglan i in., 2024). Bez wsparcia algorytmów obliczeniowych i zaawansowanych analiz danych, rozwój współczesnej biologii miRNA byłby znacząco ograniczony, a ich rola w regulacji ekspresji genów pozostałaby w dużej mierze nieznana. Bioinformatyka umożliwia nam również dogłębne poznanie złożonych interakcji i procesów zachodzących w agrocenozach, co wspiera zrównoważone zarządzanie ekosystemami rolniczymi. Poprzez komputerową analizę metagenomu, czyli całkowitego materiału genetycznego wszystkich mikroorganizmów obecnych w danym środowisku, na przykład w glebie, wodzie, czy na powierzchni rośliny, pozwala na prowadzenie precyzyjnych badań dotyczących funkcjonalnych cech społeczności bakterii, archeonów, wirusów, grzybów i innych mikrobów oraz

ich wpływu na składniki odżywcze gleby w zależności od stosowanych zabiegów agrotechnicznych. Prowadzono badania, w których zaobserwowano, że mikroorganizmy w strefie korzeni (ryzosferze) reagują silniej na sposób uprawy niż mikroorganizmy w glebie ogólnej. Uprawa bezorkowa może prowadzić do spadku zawartości węgla i azotu w glebie, ale jednocześnie wspiera aktywność mikroorganizmów odpowiedzialnych za ważne procesy, np. fermentację i utlenianie, natomiast uprawa zredukowana (ograniczająca intensywność i głębokość orki oraz liczbę zabiegów mechanicznych wykonywanych w glebie) najlepiej utrzymuje poziom składników odżywczych w glebie i wspiera obecność pożytecznych bakterii, takich jak *Streptomyces*, które pomagają roślinom radzić sobie z niedoborem fosforu (Hu i in., 2025).

Wnioski

1. Bioinformatyka stanowi fundament przyszłości zrównoważonego rolnictwa – umożliwia precyzyjne planowanie hodowli i produkcji żywności, zwiększając jej wydajność i odporność na zmiany klimatyczne.
2. Integracja bioinformatyki z technologiami cyfrowymi, takimi jak IoT i sztuczna inteligencja, otwiera nowe możliwości w zakresie prognozowania i zarządzania w rolnictwie.
3. Zastosowanie bioinformatyki w analizie toksyczności pestycydów może znacząco wpłynąć na poprawę zdrowia publicznego i podejmowanie lepszych decyzji regulacyjnych.
4. Rozwój bioinformatycznych narzędzi diagnostycznych i predykcyjnych znacząco wspiera medycynę weterynaryjną, umożliwiając skrócenie czasu trwania badań oraz obniżenie ich kosztów, przy jednoczesnym zwiększeniu precyzji i skuteczności.
5. Wzrost inwestycji w badania bioinformatyczne oraz interdyscyplinarna współpraca są kluczowe dla dalszego rozwoju innowacyjnych i odpornych systemów żywnościowych.

Piśmiennictwo

1. Alasa, D. K., Jiyane, G. (2025). Bridging innovation and sustainability: The evolving role of information technology in plant biotechnology. *Western Journal of Agricultural Science and Technology*, 1(1), 1-6.
2. Anandhi, G., Iyapparaja, M. (2024). Systematic approaches to machine learning models for predicting pesticide toxicity. *Heliyon*, 10(7), e28752. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e28752>
3. Hu, X., Liu, J., Liang, A., Gu, H., Liu, Z., Jin, J., Wang, G. (2025). Soil metagenomics reveals reduced tillage improves soil functional profiles of carbon, nitrogen, and phosphorus cycling in bulk and rhizosphere soils. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 379, 109371. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2024.109371>

4. Jaglan, K., Dhaka, S. S., Magotra, A., Patil, C. S., Ghanghas, A. (2024). Exploring microRNA biogenesis, applications, and bioinformatics analysis in livestock: A comprehensive review. *Reproduction in Domestic Animals*, 59(1), e14529. <https://doi.org/10.1111/rda.14529>
5. Li, X., Chen, X., Wang, Q., Yang, N., Sun, C. (2024). Integrating bioinformatics and machine learning for genomic prediction in chickens. *Genes*, 15(6), 690. <https://doi.org/10.3390/genes15060690>
6. Lorusso, T., Blaustein, M., García Carrillo, M. (2024). Bioinformatic analysis of the potential effects on human health of herbicides for alternative use to glyphosate and atrazine. *SCT Proceedings in Interdisciplinary Insights and Innovations*, 2, 293.
7. Prajval, V., Krishnamoorthi, A., Thakur, R., Ruchitha, T., Kapoor, M., Singh, A., Chittibomma, K. (2024). From code to crop: How bioinformatics is transforming crop genomics in modern agriculture and bettering environment. *Journal of Advances in Biology & Biotechnology*, 27(4), 27-49. <https://doi.org/10.9734/jabb/2024/v27i4737>
8. Zhang, J., Trautman, D., Liu, Y., Bi, C., Chen, W., Ou, L., Goebel, R. (2024). Achieving the rewards of smart agriculture. *Agronomy*, 14(3), 452. <https://doi.org/10.3390/agronomy14030452>
9. Zhang, X., Ibrahim, Z., Khaskheli, M. B., Raza, H., Zhou, F., Shamsi, I. H. (2024). Integrative approaches to abiotic stress management in crops: Combining bioinformatics educational tools and artificial intelligence applications. *Sustainability*, 16(17), 7651. <https://doi.org/10.3390/su16177651>
10. Zhu, C., Zhao, L., Zhao, S., Niu, X., Li, L., Gao, H., Liu, J., Wang, L., Zhang, T., Cheng, R., Shi, Z., Zhang, H., Wang, G. (2024). Utilizing machine learning and bioinformatics analysis to identify drought-responsive genes affecting yield in foxtail millet. *International Journal of Biological Macromolecules*, 277(Part 2), 134288. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2024.134288>